武汉植物园在龙胆族叶绿体基因组进化和系统学研究中取得进展

作者：writer 来源：中国科学院

本文原地址：https://www.iikx.com/news/progress/11066.html

本文仅供学习交流之用，版权归原作者所有，请勿用于商业用途！

随着二代测序技术的发展，植物叶绿体基因组序列已普遍应用于重建植物“生命之树”研究中。大多数植物叶绿体基因组呈环状四分体结构，包含约80个蛋白编码基因。叶绿体基因组由于缺乏重组，而常被认为是连锁的单一基因座；然而，越来越多的研究表明，叶绿体基因组中不同区域以及不同编码基因具有不同的核酸替代速率，经受不同的自然选择压力。目前对叶绿体单基因或不同功能组基因的进化研究较少。此外，传统基于叶绿体基因组的系统基因组学研究，通常将叶绿体基因组直接串联起来进行系统树构建，因此，单基因遗传变异导致的系统发育不一致性常被忽略。

龙胆族包含龙胆亚族和獐牙菜亚族，大多数生长在青藏高原高山草甸及流石滩，包含许多高山花卉和药用植物，如龙胆、獐牙菜、秦艽、扁蕾等，是理解高山植物演化和适应性的良好类群。基于DNA片段的系统学研究往往不能提供较好的分辨率，使得龙胆族内系统关系未能得到揭示。

中国科学院武汉植物园系统与进化学科组采集龙胆族10个属的样品进行叶绿体基因组测序，探讨龙胆族系统发育关系以及叶绿体基因组的进化。系统发育分析得到各属之间稳健的系统关系，其中獐牙菜属不是单系。研究发现单基因系统树之间存在较大的变异，将所有基因串联建树会掩盖单基因带来的差异。超过一半的基因导致龙胆族混乱的系统关系，其中包括常用分子标记。这或许可以解释以往研究使用DNA片段无法很好的重建该族系统发育关系的原因。对核苷酸替代率的估计显示，不同叶绿体基因之间以及不同功能组基因之间存在广泛的替代率异质性。比较分析表明，核糖体蛋白基因和RNA聚合酶基因在龙胆族叶绿体基因中具有较高的替代率和遗传变异；参与光合作用的编码基因较为保守。比较分析揭示rpoC2基因具有较高系统发育信息性，可用作龙胆族分类学研究的条形码。此外，龙胆族叶绿体蛋白编码基因组都经历着纯化选择，而纯化选择对有害变异的过度清除可能会模糊对系统发育关系的推断。

该研究利用系统基因组学揭示龙胆族内系统发育关系，为研究该族物种的起源和进化奠定基础。比较基因组学分析揭示广泛的进化速率异质性和质体基因间的遗传变异；同时揭示普遍存在的单基因树系统发育不一致的情况，突出在未来的系统基因组学研究中考虑基因树异质性的必要性。相关研究成果以*Plastome phylogenomic study of Gentianeae (Gentianaceae): widespread gene tree discordance and its association with evolutionary rate heterogeneity of plastid genes*为题，发表在*BMC Plant Biology*上。系统与进化课题组博士生张旭为论文第一作者，由研究员王恒昌指导完成。

论文链接



龙胆族植物（张旭拍摄）

研究团队单位：武汉植物园

更多 科学进展 请访问 https://www.iikx.com/news/progress/

本文版权归原作者所有，请勿用于商业用途，爱科学iikx.com转发